

STRESZCZENIE

Cząsteczki głównego kompleksu zgodności tkankowej (ang. *major histocompatibility complex*, MHC) biorą udział w obronie przeciw patogenom wewnątrz- i zewnątrzkomórkowym (odpowiednio MHC klasy I i II). Geny MHC wykazują wysoki polimorfizm, szczególnie w obrębie miejsca wiążącego antygen (rowka), co umożliwia skuteczną obronę przed szerokim spektrum patogenów, zarówno na poziomie osobniczym jak i populacyjnym.

W niniejszej pracy, jako obiekt badań wykorzystano niemodelowy gatunek ptaka wodnego, łyskę *Fulica atra* (Rallidae, Gruifomes). Próbkę krwi pobierano od ptaków z czterech populacji, z których dwie związane były z krajobrazem silnie zurbanizowanym (Łódź, Warszawa), a dwie z terenami pozamiejskimi. W efekcie, badaniami objęto dwa różne typy siedlisk, w których może występować różna presja patogenów. Celem pracy było zarówno scharakteryzowanie regionu MHC łyski, jak i określenie roli tych genów w procesach synurbizacji ptaków.

Przy pomocy sekwencjonowania całego genomu oraz celowanego genotypowania kluczowych eksonów (sekwencjonowanie wysokoprzepustowe) ustalono, że region MHC wykazuje u łyski nadzwyczaj wysoki poziom polimorfizmu i wysoką liczbę zduplikowanych genów. Jednocześnie wykazano, że dobór różnicujący i sygnał rekombinacji jest słabszy w przypadku genów MHC klasy I niż klasy II, co może wskazywać na różne trajektorie ewolucyjne tych genów.

Z kolei badania kondycji, ekspresji ornamentu oraz komponentów dostosowania (sukces reprodukcyjny) wykazały negatywny związek między różnorodnością genów MHC, a cechami związanymi z dostosowaniem. Wskazuje to na wysokie koszty ekspresji dużej liczby wariantów allelicznych MHC przez osobniki z populacji miejskich, gdzie fauna patogenów może charakteryzować się względnie niską różnorodnością.

Przeprowadzone badania wykazały również istotne zróżnicowanie międzypopulacyjne genów MHC klasy II w zależności od stopnia urbanizacji. Stwierdzono istotne zróżnicowanie genów MHC między populacjami miejskimi i pozamiejskimi, a populacje pozamiejskie charakteryzowały się najwyższą różnorodnością alleliczną MHC. Jednocześnie, nie wykryto istotnego neutralnego zróżnicowania genetycznego między populacjami, co sugeruje że zróżnicowanie MHC może być efektem adaptacji immunogenetycznych ptaków do życia w siedliskach miejskich.

Podsumowując, wyniki niniejszej rozprawy dostarczają nowych informacji o zróżnicowaniu genów MHC u ptaków i mechanizmów, które to zróżnicowanie kształtują, ale również zwiększają nasze zrozumienie mikroewolucyjnych adaptacji zwierząt do życia w silnie przekształconym krajobrazie miejskim.

Ewa Piłkus

SUMMARY

Molecules of the major histocompatibility complex (MHC) are involved in the defense against intra- and extracellular pathogens (MHC class I and II, respectively). In general, MHC genes show extreme polymorphism, especially within the antigen binding region (groove), which enables effective recognition of diverse pathogens, both at the individual and population level.

In this study, a non-model species of waterbird, the Eurasian coot *Fulica atra* (Rallidae, Gruiformes) was used as the research object. Blood samples were taken from birds from four populations, two associated with a highly urbanized landscape (Łódź, Warsaw), and the other two from non-urban areas. As a result, the study covered two different types of habitats that may be subject to different pathogen pressure. The aim of the study was both to characterize the MHC region of the coot and to determine the role of these genes in the processes of bird urbanization.

Using whole genome sequencing and targeted genotyping of key exons (high-throughput sequencing), it was found that the MHC region in coots shows an exceptional level of polymorphism and a high number of duplicated genes. At the same time, it was shown that diversifying selection and recombination signal were weaker at MHC class I than class II, which may indicate different evolutionary trajectories of these genes.

On the other hand, the study of condition, ornament expression and components of fitness (reproductive success) showed a negative relationship between the diversity of MHC genes and the fitness-related traits. This indicates that expressing large number of MHC allelic variants may impose high costs on individuals from urban populations, where pathogen fauna may have relatively low diversity.

The research also showed a significant inter-population differentiation of MHC class II genes depending on the degree of urbanization. Significant differentiation of MHC genes was found between urban and non-urban populations, and non-urban populations were characterized by the highest allelic diversity of the MHC. At the same time, no significant neutral genetic variation between populations was detected, suggesting that MHC variation may be the result of immunogenetic adaptation of birds to urban life.

Taken together, the results of this dissertation not only provide a new insight into the mechanisms that shape diversity of MHC genes in birds, but they also enhance our understanding of the microevolutionary adaptations of animals to highly transformed urban landscape.

Ewa Pikuś